

PAN GENOMA Y CORE GENOMA DE *Bacillus pumilus*.

José Luis Reyes Cortes^a, Edith Ponce Alquicira^a, Alejandro Azaola Espinosa^b, Luis Fernando Lozano Aguirre Beltrán^c.

^aUniversidad Autónoma Metropolitana Unidad Iztapalapa, ^bUniversidad Autónoma Metropolitana Unidad Xochimilco,

^cUNAM Centro de Ciencias Genómicas, Ciudad de México 09340.jose.luis.37@hotmail.com

Palabras clave: pangenoma, coregenoma, filogenia.

Introducción. *Bacillus pumilus* es una bacteria Gram-positiva, aerobia y formadora de esporas. Algunas cepas de *B. pumilus* son usadas en la industria para la producción de enzimas y otros productos de interés en cantidades significativas (1). El pangenoma es el conjunto completo de genes de todas las cepas de una especie; incluye genes presentes en todas las cepas (genoma central) y genes únicamente presentes en algunas cepas de una especie denominado genoma variable o accesorio(2). El objetivo de este trabajo fue determinar la el estado del pangenoma de la *Bacillus pumilus*.

Metodología. En este estudio se extrajo el ADN genómico de la cepa de *Bacillus pumilus* UAMX, secuenciando el genoma total con la tecnología PAC-BIO(3), obteniendo librerías de 20 Kbp. Las secuencias obtenidas se ensamblaron con la herramienta CANU(4) y la anotación con PROKKA(5). De la base de datos se decargaron los genomas existentes y cerrados de las cepas de *Bacillus pumilus* para crear el Pan y Core genoma de *B. pumilus* mediante la herramienta BPGA (Bacterial Pangenome Genome Analysis) con los archivos .faa de cada cepa y la cepa de estudio, así como el árbol filogenético.

Resultados.

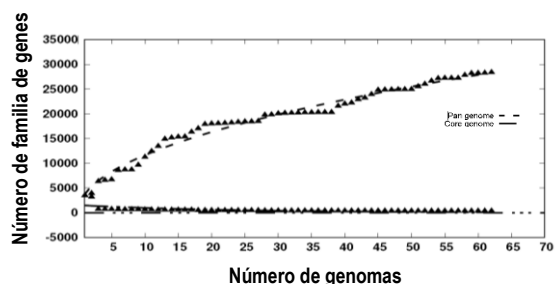


Figura 1. CORE Y PAN GENOMA de *B.pumilus*

En la figura 1, se muestra el pangenoma y core genoma de *B.pumilus* al aumentar el número de genomas, es decir ya no se han adquirido nuevos genes. Se puede observar en la figura 2, el decremento familias de genes al ir aumentando el número de genomas. La figura 3 muestra la estrecha relación de la cepa de estudio, con las cepas *B.pumilus* Boon y SH-B9

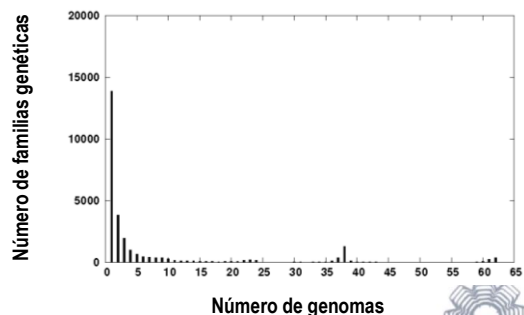


Figura 2. Numero de familias genéticas de *B.pumilus*

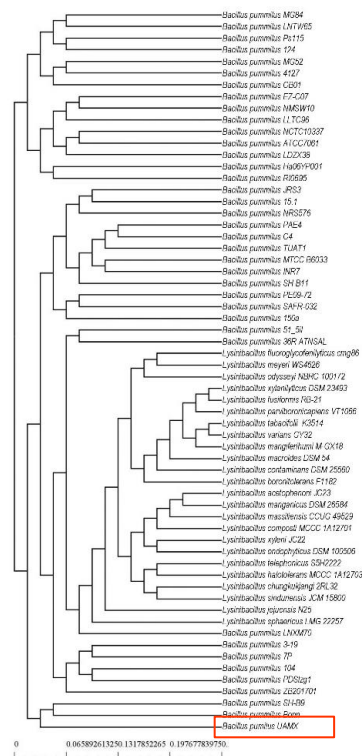


Figura 3. Árbol filogenético obtenido con el pangenoma.

Conclusiones. El pangenoma (Fig 1) de *B. pumilus* está cerrado, ya que el aumento de genomas de *B.pumilus* no es proporcional a la presencia de nuevas familias de genes. La cepa de *B.pumilus* UAMX, está estrechamente relacionada con las cepas Boon y SH-B9.

Agradecimientos. Al CONACYT por la beca para estudios de posgrado otorgada durante la realización de este proyecto.

Bibliografía.

1. Handtke, S., Albrecht, D., Otto, A., Becher, D., Hecker, M., & Voigt, B. (2018). Proteomics, 18(1), 1700109.
2. Medini, D., Donati, C., Tettelin, H., Maignani, V., & Rappuoli, R. (2005). Current opinion in genetics & development, 15(6), 589-594.
3. Rhoads, A., & Au, K. F. (2015). Genomics, proteomics & bioinformatics, 13(5), 278-289.
4. Koren, S., Walenz, B. P., Berlin, K., Miller, J. R., Bergman, N. H., & Phillippy, A. M. (2017). Genome research, 27(5), 722-736.
5. Seemann, T. (2014). Bioinformatics, 30(14), 2068-2069.